DOI：10.11931/guihaia.gxzw201711041

# 茶条槭自然种群种子和果实表型多样性研究

武艳虹[1]，樊泽璐，李佳，郭晋宏，郭雅坤，王祎玲*

（山西师范大学 生命科学学院，山西 临汾 041000）

**摘要**：为探析茶条槭（*Acer ginnala*）种子和果实表型差异程度及变异规律，该文采用巢式方差分析、主成分分析、聚类分析等方法，对茶条槭主要分布区内 7 个种群种子和果实的 12 个表型性状进行比较研究，分析茶条槭种群间和种群内的表型多样性以及与地理生态因子的关系。 结果表明：除种子长 / 宽（SLW）外，其它 11 个表型性状在茶条槭种群间和种群内均具有显著差异；各性状平均变异系数（*CV*）为 13.90%，变异幅度为 8.14%-32.08%；种群间翅果性状的平均变异系数(15.63%) 高于种子性状的平均变异系数(8.71%)，表明种子性状的稳定性高于果实性状。主成份分析中，果实形态特征对茶条槭种群表型的贡献率大于种子贡献率。种群间表型分化系数为 $V_{ST}$ 为 35.47%，说明种群内变异(64.53%)大于种群间变异(35.47%)，暗示变异主要来源于种群内变异。茶条槭种子和果实表型性状受地理生态因子影响较小，主要受自身遗传因素的影响。基于种群间欧式距离的聚类分析将茶条槭 7 个种群分为 2 大支，没有严格按照地理距离而聚类，表明茶条槭种群表型性状变异的不连续性。茶条槭不同种群种子和果实具有较高的表型多样性，与其分布范围和生物学特性有关。种群间和种群内多层次的表型变异为茶条槭种质资源保护和利用奠定了基础。

**关键词**：茶条槭，种群，种子和果实性状，表型多样性，变异，地理生态因子

中图分类号：Q941　　　　文献识别码：A

# Phenotypic diversity of wing fruits and seeds in natural populations of *Acer ginnala* Maxim in China

WU Yan-Hong[1]，FAN Ze-Lu，LI Jia，GUO Jin-Hong，GUO Ya-Kun，WANG Yi-Ling*

(*College of Life Sciences, Shanxi Normal University*, Linfen 041000, China)

**Abstract**: Nested variation, coefficient of variation, Principal Component Analysis and UPGMA cluster analysis was used to analyze phenotypic traits of seeds and fruits among populations for determining the phenotypic traits variations of *Acer ginnala* populations and its relationship with geographical environment factors. We made a comparative study on twelve phenotypic traits of fruit and seed in seven natural populations of *Acer ginnala* from seven provinces. The results showed that there were abundant variations in phenotypic traits of fruit and seed among and within population of *Acer ginnala*. And there were eleven phenotypic traits (except SLW) occurring extremely significant differences among and within populations. Coefficient of variance ( *CV*) of the twelve phenotypic traits was 8.14%– 32.08%, with an average of 13.90%. And the variance coefficient of seeds among populations ( 8.17%) was lower than that of wing fruits ( 15.63%) , which indicated that the seeds had higher stability than the fruits. Principal component analysis ( PCA) showed that the contribution of morphological characteristics of fruit to the phenotypic traits of *Acer ginnala* populations was higher than that of seeds, which indicated that the main variation source of *A. ginnala* came from the fruits. Mean coefficient of phenotypic differentiation (*Vst*) between populations was 35.47%, which was lower than that within populations ( 64.53%), indicating that the variance within population was the main source of the phenotypic variation for *Acer ginnala*. The twelve phenotypic traits of seeds and fruits of *Acer ginnala* are less affected by the geographical ecological factors, which are mainly affected by their own genetic factors. All studied seven populations could be clustered into two groups by UPGMA, but did not strictly classify according to the geography distance, indicating the discontinuity in the variation of twelve phenotypic traits. *Acer ginnala* possessed a high level phenotypic diversity, which might result from its biological characteristics and large geographical distribution ranges.The multiple variations among and within populations would provide insights and guidelines for the genetic conservation and

utilization of *Acer ginnala* resources. At the same time, its of great significance for further study of genetic diversity, conservation of germplasm resources, rational development of natural forests and cultivation of plantations.

**Key words：** *Acer ginnala*, population, fruit and seed traits, phenotypic diversity, variation, geographical environment factors

---

基金项目：国家自然科学基金（青年）项目（31701949）；山西省自然科学基金项目（2011011031-2）

［ Supported by the National Natural Science Foundation of China（31701949）； Shanxi Science Foundation of Shanxi Province（2011011031-2）］。

作者简介：武艳虹（1992-），女，山西吕梁岚县人，硕士，从事植物分子生态学研究，（E-mail）952174149@qq.com。

*通信作者：王祎玲，博士，教授，主要从事遗传学、植物分子生态学研究，E-mail：ylwangbj@ hotmail.com。



## 前言

茶条槭（*Acer ginnala* Maxim）属槭树科（Aceraceae）槭树属（*Acer*）落叶小乔木或灌木。其耐寒、耐庇阴、喜潮湿，但耐干旱贫瘠，抗病力、适应性强，广泛分布于中国的黑龙江、吉林、辽宁、山西、陕西、内蒙等地的山地和林区，具有十分重要的药用、绿化和经济价值（王丹等，2010；李岩岩，2010）。茶条槭天然林被过度砍伐，野生资源大量丢失，分散零落，种群结构不稳定，因此需要弄清其资源的分布及遗传多样性等，实现对茶条槭的合理开发利用和生物多样性的保护（马忠华等，2005）。近年来，关于茶条槭的研究多集中在幼树叶色变化的生理特性(洪丽，2008)、叶没食子酸提取分离工艺研究(邱亮，2012)，叶总酚的提取工艺优化及其抗氧化活性（赵岩等，2016），茶条槭表型多样性、遗传多样性研究（王丹等，2010；林丽丽，2015；闫女等，2010）以及茶条槭 SDH 基因克隆及生物信息学分析（崔丽婷等，2017）研究等。

表型多样性是生物多样性研究的重要内容，主要研究种群在不同的环境条件下的表型变异，同时也可反映物种的遗传变异情况（阎爱民和陈文新，1999）。植物表型性状反映了基因型对环境变化的适应，在长期的压力选择中发生不可逆变化，经稳定遗传后产生新表型，因此表型变异往往在适应和进化上有重要意义（Pigliucci M et al，2006）。植物表型性状包括叶、果实、种子性状等，其中种子和果实性状是植物有性生殖系统的主要构成部分，是繁衍和生存适应性的综合表现，相比较其他性状来说，种子和果实变异是遗传多样性研究的基础与先导，具有较高的稳定性（黄东静等，2016），可以揭示不同种群的遗传规律、变异大小，并了解环境与遗传因素对于群体的影响。目前，国内外学者对于松属（*Pinus*）的美国白皮松（*P．albicaulis*）(Garcia R et al，2009)、白皮松( *P．bungeana*)（李斌等，2002）、江南油杉（*Keteleeria fortunei* var.*cyclolepis*）(刘雄盛等，2017)、无患子（*Sapindus mukorossi*）（刁松锋等，2014）、文冠果（*Xanthoceras sorbifolia*）（侯元凯等，2013）、元宝枫（*Acer truncatum*）(乔谦等，2017)、鸡爪槭(*A. palmatum*)（黄东静等，2016)、皂荚(*Gleditsia sinensis*）李伟等，2013）等的种子和果实变异进行了研究，为这些树种种质资源选育及保护利用奠定了基础。

本文选取的研究对象为茶条槭种群种子和果实，旨在探究茶条槭不同种群种子和果实的表型变异程度，揭示茶条槭种子和果实的表型变异及其生态地理变异规律，以期为后续茶条槭种质资源开发利用、制定保护对策和良种的选育等提供参考依据。

# 1. 材料与方法

## 1.1 材料的采集

根据相关文献、书籍记载，按照茶条槭主要分布区域和实际结实状况，于 2016 年 10-11 月采集了茶条槭广泛分布的 7 个省的不同样地的种子和果实（表 1）。每个样地作为一个种群处理，在选取的样地内随机选择 30 株无明显缺陷及严重病虫害、生长正常、株间距离为 30m 以上的个体（防止母系遗传），取每个单株树冠中上部四个方向成熟果实，带回实验室分析测定。对选定的种群采用全球卫星定位系统（GPS）观测种群的经度、纬度、海拔等地理生态因子（表 1）。

表 1 茶条槭种群的地理位置及生态因子

Table 1 Location and related ecological factors of the sampled populations of *Acer ginnala*

| 种群 Population | 经度 Longitude (E) | 纬度 Latitude(N) | 海拔 Altitude (m) | 年均温 Average Temperature（℃） | 年降水 Precipitation（mm） |
|---|---|---|---|---|---|
| MHS | 112.29 | 40.64 | 1533 | 3.74 | 395 |
| TBS | 113.27 | 32.38 | 881 | 14.90 | 895 |
| BX | 123.76 | 41.29 | 119 | 6.90 | 841 |
| JLLYL | 127.17 | 43.93 | 547 | 3.70 | 664 |
| QLY | 111.16 | 36.43 | 1560 | 8.60 | 539 |
| LS | 120.66 | 36.14 | 247 | 12.20 | 701 |
| HLS | 109.83 | 35.57 | 1217 | 9.20 | 582 |

注: MHS. 内蒙蛮汉山; TBS. 河南桐柏山; BX. 辽宁本溪; JLLYL. 吉林老爷岭; QLY. 山西七里峪; LS. 山东崂山; HLS. 陕西黄龙山。下同。

Note: MHS. Manhan Mounation in Inner Mongolia; TBS. Tongbai Mounation in Henan; BX. Benxi in Liaoning; JLLYL. Laoyeling in Jilin; QXLC. Qingxiang Forest farm in Shanxi; LS. Lao Mounation in Shandong; HLS. Huanglong Mounation in Shaanxi. The same below.

## 1.2 表型性状测定

根据罗建勋（2003）的方法对茶条槭种子和果实进行测定，用游标卡尺测定（精度为 0.01mm）翅果长（KFL）、翅果宽（KFW）、果长（FL）、果宽（FW）、果柄长（FSL）、着生痕（BM）、种子宽（SW）、种子长（SL）；用量角器测量（精确度为 0.1°）翅果夹角（SCA）；并计算翅果长/翅果宽（KFLW）、果长/果宽（FLW）、种子长/宽（SLW）共 12 个茶条槭种子和果实表型性状指标。

## 1.3 统计分析

采用SPSS 21.0软件对各性状进行巢式方差分析（李斌等，2002），线性模型为：

$$Y_{ijk}=L+S_i+T_{(i)j}+E_{(ij)}$$

式中：$Y_{ijk}$为第 $i$ 个种群第 $j$ 个家系第 $k$ 个观测值，$L$ 为总均值，$S_i$ 为种群效应（固定），$T_{(i)j}$ 为种群内家系效应（随机）；$E_{(ij)k}$ 为试验误差，分析茶条槭群体的表型变异特征。并计算表型分化系数（葛颂等，1988），计算公式为：

$$V_{st} = (\delta^2_{t/s}) / (\delta^2_{t/s} + \delta^2_{t})$$

式中：$\delta^2_{t/s}$为种群间方差分量，$\delta^2_{t}$为种群内方差分量。

应用SPSS 21.0软件对茶条槭各表型性状进行主成分分析以确定表型差异的主要表型性状 。

采用软件 NTSYS v2.10 软件采用非加权配对算数平均法（UPGMA）对茶条槭种群进行聚类分析（明军和顾万春，2006）。其他统计运算按照常规方法采用 Excel2010、SPSS 21.0 软件包提供的有关程序进行。

## 2．结果与分析

### 2.1 茶条槭种子和果实性状在种群间和种群内的差异

除翅果宽（KFW）外，其它 11 个种子和果实性状在不同种群间的差异均达到极显著水平（$P$<0.01）；在种群内，KFW 性状呈显著差异水平（$P$<0.05），种长/种宽（SLW）性状差异不显著，其余性状在种群内均差异极显著（表 2），说明茶条槭种子和果实性状在种群间、种群内存在着广泛的遗传差异。

表 2 茶条槭种群间种群内种子和果实性状的方差分析

Table 2 Variance analysis of fruit and seed phenotypictraits among populations / within population in *Acer ginnala*

| 性状 Traits | 平均方差 Mean square | | | F 值 F value | |
|---|---|---|---|---|---|
| | 种群间 Among populations | 种群内 Wthin populations | 机误 Random error | 种群间 Among populations | 种群内 Within populations |
| KFL | 14.25 | 2.32 | 0.67 | 16.96** | 1.28** |
| KFW | 0.15 | 0.23 | 0.04 | 1.20* | 0.56* |
| KFLW | 2.36 | 2.63 | 1.27 | 5.69** | 26.40* |
| FL | 1.16 | 2.14 | 0.06 | 1.76** | 1.28** |
| FW | 423.95 | 301.68 | 54.76 | 3.34** | 2.01** |
| FLW | 19.525 | 5.066 | 0.146 | 6.504** | 3.142** |
| FSL | 24.00 | 3.66 | 0.72 | 31.23** | 3.46** |
| BM | 0.12 | 0.05 | 0.09 | 6.23** | 3.42** |
| SCA | 7.80 | 5.23 | 3.55 | 2.66** | 0.92** |
| SL | 86.223 | 21.169 | 22.366 | 2.654** | 0.622** |
| SW | 14.325 | 4.864 | 0.562 | 1.982** | 3.044** |
| SLW | 64.53 | 1.64 | 1.64 | 53.64** | 0.689 |

注：**KFL**. 翅果长; **KFW**. 翅果宽; **KFLW**. 翅果长/翅果宽, **FL**. 果长, **FW**. 果宽; **FLW**. 果长/果宽, **FSL**. 果柄长; **BM**. 着生痕; **SCA**. 翅果夹角; **SL**. 种长; **SW**. 种宽, **SLW**. 种长/种宽。 **表示在 0.01 水平上显著相关; *表示在 0.05 水平上显著相关。下同。

Note：**KFL**. Key fruit length; **KFW**. Key fruit width; **KFLW**. Key fruit length/ Key fruit width; **FL**. Fruit length; **FW**. Fruit width; **FLW**. Fruit length/ Fruit width; **FSL**. Fruit stalk length; **BM**. Bear the mark; **SCA**. Samara connecting angle; **SL**. Seed length; **SW**. Seed width; **SLW**. Seed length/ Seed width. ** means significant correlation（$P$<0.01）; * means significant correlation （$P$<0.05）. The same below.

### 2.2 茶条槭表型性状变异特征

变异系数 *CV* 可对不同表型性状间的变异程度进行分析比较。*CV* 越大，说明性状的离散程度越大。茶条槭 12 个种子和果实性状的变异系数范围在 8.14%-32.08%（表 3），其中

果柄长最大（32.08%），种宽最小（8.14%），各性状平均变异系数为 13.90%，其中种子性状的平均变异系数（8.71%）低于翅果性状的平均变异系数(15.63%)，说明茶条槭种子表型性状稳定性相对较高，果实表型性状变异更加丰富。

在不同群体内同一性状的变异幅度也有不同，暗示不同地区环境的差异性导致群体表型变异的不同。如翅果宽性状（KFW）在本溪（BX）种群变异最大（20.14 %），是变异最小的桐柏山种群（TBS）（10.54%）的 1.91 倍；同一种群中不同性状变异系数也有很大的差别，如本溪种群（BX）中翅果宽性状变异系数最大（20.14 %），是变异系数最小的种宽性状（6.98%）2.89 倍，说明不同性状对环境的适应过程最终也导致了种群表型变异的差异。

表 3 茶条槭种子和果实性状的变异系数（*CV*）（%）

Table3Variation coefficients of phenotypic traits in nature *Acer ginnal*

| | KFL | KFW | KFLW | FL | FW | FLW | FSL | BM | SCA | SL | SW | SLW | 平均值 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| MHS | 16.27 | 18.32 | 21.08 | 10.23 | 7.64 | 11.62 | 27.62 | 11.69 | 21.78 | 11.54 | 7.56 | 8.45 | 14.50 |
| TBS | 10.54 | 12.62 | 9.83 | 13.26 | 13.22 | 14.91 | 24.84 | 11.38 | 16.72 | 9.68 | 6.54 | 8.26 | 12.65 |
| BX | 16.62 | 20.14 | 16.44 | 8.99 | 9.29 | 10.21 | 41.62 | 11.93 | 14.60 | 8.64 | 6.98 | 10.12 | 14.63 |
| JLLYL | 14.50 | 14.05 | 15.87 | 11.14 | 10.60 | 11.68 | 34.97 | 11.47 | 22.10 | 10.42 | 8.43 | 6.21 | 14.28 |
| QXLC | 18.51 | 18.10 | 11.51 | 9.73 | 11.17 | 10.94 | 37.29 | 10.98 | 18.00 | 7.54 | 10.02 | 9.24 | 14.41 |
| LS | 12.31 | 15.62 | 10.45 | 12.64 | 9.46 | 10.98 | 26.27 | 10.21 | 28.64 | 10.21 | 9.64 | 7.32 | 13.64 |
| HLS | 11.70 | 15.16 | 13.46 | 8.53 | 7.61 | 10.48 | 31.95 | 9.51 | 24.10 | 8.61 | 7.53 | 9.62 | 13.18 |
| 平均值 Mean | 14.35 | 16.28 | 14.09 | 10.64 | 9.85 | 11.54 | 32.08 | 11.02 | 20.84 | 9.52 | 8.14 | 8.46 | 13.9 |



2.3 茶条槭表型变异来源及种群间表型分化

我们采用巢氏方差分析对茶条槭 12 个表型性状的变异来源做了进一步确定，将茶条槭种子和果实性状的变异分为种群间、种群内、随机误差三个部分，茶条槭的变异来源用每一部分的方差分量百分比来反映（张恒庆等，1999）。表型分化系数反应了种群间表型分化的大小，其值越大，表明种群间的遗传分化和遗传变异也越大；反之，则越小。由表 4 可知，茶条槭 12 个种子和果实性状在种群间的平均方差分量百分比为 30.68%，种群内的平均方差分量百分比为 54.03%，表明茶条槭种群内的分化程度大于种群间。

茶条槭 12 个种子和果实性状的表型分化系数（*Vst*）的变异范围为 15.99 % - 82.35%，其中表型分化系数较大的为果宽性状（82.35%），最小的为果长性状（15.99%）。12 个性状种群间表型分化系数均值为 35.47%，种群间变异 (35.47%) 小于种群内变异 ( 64.53%) ，说明茶条槭种子和果实性状的主要变异来源是种群内变异，种群间多样性要小于种群内多样性。

表 4 茶条槭种子和果实性状的方差分量及种群间表型分化系数

Table 4 Variance portions and differentiation coefficients of cone and seed phenotypic traits among / within populations in *Acer ginnala*

| 表型性状 Traits | 方差分量 component of variance | | | 方差分量百分比 Percentage of difference component | | 表型分化系数 $V_{ST}$ |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | 种群间 | 种群内 | 随机误差 | 种群间 | 种群内 | |

| | Among populations | within populations | Random error | Among populations | within populations | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| KFL | 0.011 | 0.057 | 0.012 | 13.75 | 71.25 | 16.18 |
| KFW | 0.021 | 0.026 | 0.004 | 41.18 | 50.98 | 44.68 |
| KFLW | 0.012 | 0.063 | 0.008 | 14.46 | 75.90 | 16.00 |
| FL | 0.004 | 0.021 | 0.046 | 5.63 | 29.58 | 15.99 |
| FW | 0.014 | 0.003 | 0.002 | 73.68 | 15.79 | 82.35 |
| FLW | 0.083 | 0.067 | 0.023 | 47.98 | 38.73 | 55.33 |
| FSL | 0.022 | 0.087 | 0.001 | 20.00 | 79.09 | 20.18 |
| BM | 0.006 | 0.011 | 0.021 | 15.79 | 28.95 | 35.29 |
| SCA | 354.870 | 382.152 | 0.011 | 48.15 | 51.85 | 48.15 |
| SL | 0.021 | 0.075 | 0.004 | 25.31 | 83.64 | 23.23 |
| SW | 0.045 | 0.052 | 0.012 | 41.28 | 47.71 | 46.39 |
| SLW | 0.034 | 0.064 | 0.021 | 21.00 | 75.00 | 21.88 |
| 平均值 Mean | | | | 30.68 | 54.03 | 35.47 |

2.4　茶条槭种子和果实表型性状的主成分分析

在上述分析的基础上进一步对茶条槭 12 个种子和果实性状指标进行主成分分析，确定每个性状对茶条槭种子和果实表型变异的影响程度。结果表明：前 3 个主成份累积贡献率达到 71.65%，基本能代表原始变量所含有的全部信息。第 1 主成份的贡献率为 37.044%，起决定作用的有果长/果宽（FLW）、着生痕（BM）、果长（FL）和翅果宽（KFW）；第 2 主成份的贡献率为 20.21%，起主导作用的有果宽（FW）；第 3 主成份的贡献率为 14.40%，其中起主导作用的有翅果长/翅果宽（KFLW）、翅果宽（KFW）(表 5)。茶条槭种群表型多样性基本来源为果实贡献率>种子贡献率，这基本吻合上述分析所得结果。

表 5　茶条槭不同群体种子和果实表型性状的主成分分析

Table 5　The PCA of phenotypic traits in different *Acer ginnala* population

| 表型性状（Traits） | 主成分 Principal component | | |
|---|---|---|---|
| | PC1 | PC2 | PC3 |
| KFL | 0.551 | 0.597 | 0.036 |
| KFW | 0.691 | 0.232 | -0.611 |
| KFLW | -0.281 | 0.362 | 0.825 |
| FL | 0.791 | 0.324 | 0.151 |
| FW | -0.447 | 0.748 | -0.279 |
| FLW | 0.834 | -0.364 | 0.319 |
| FSL | 0.236 | 0.357 | 0.076 |
| BM | 0.830 | 0.200 | 0.164 |
| SCA | -0.457 | 0.560 | 0.066 |
| SL | 0.324 | 0.059 | 0.363 |
| SW | 0.212 | 0.302 | 0.224 |
| SLW | 0.026 | 0.164 | 0.038 |

| | | | |
|---|---|---|---|
| 特征值<br>Eigen value | 3.334 | 1.819 | 1.296 |
| 贡献率<br>Contribution rate | 37.044 | 20.216 | 14.399 |
| 累计贡献率<br>Cumulative contribution | 37.044 | 57.260 | 71.658 |

2.5　茶条槭表型性状与地理生态因子间的相关性

将茶条槭 12 个种子和果实性状与地理生态因子进行相关性分析与检验，结果表明（表 6）：只有果长（FL）和果宽（FW）分别与年均温和年降水呈显著负相关，相关系数分别为 0.821、0.790，反映出茶条槭耐寒、耐庇阴、喜潮湿且耐干旱的习性；其余 10 个种子和果实性状与地理生态因子均无显著性关系。总体而言，果实性状与种子性状相比，果实表型性状受地理生态因子影响较大一些。

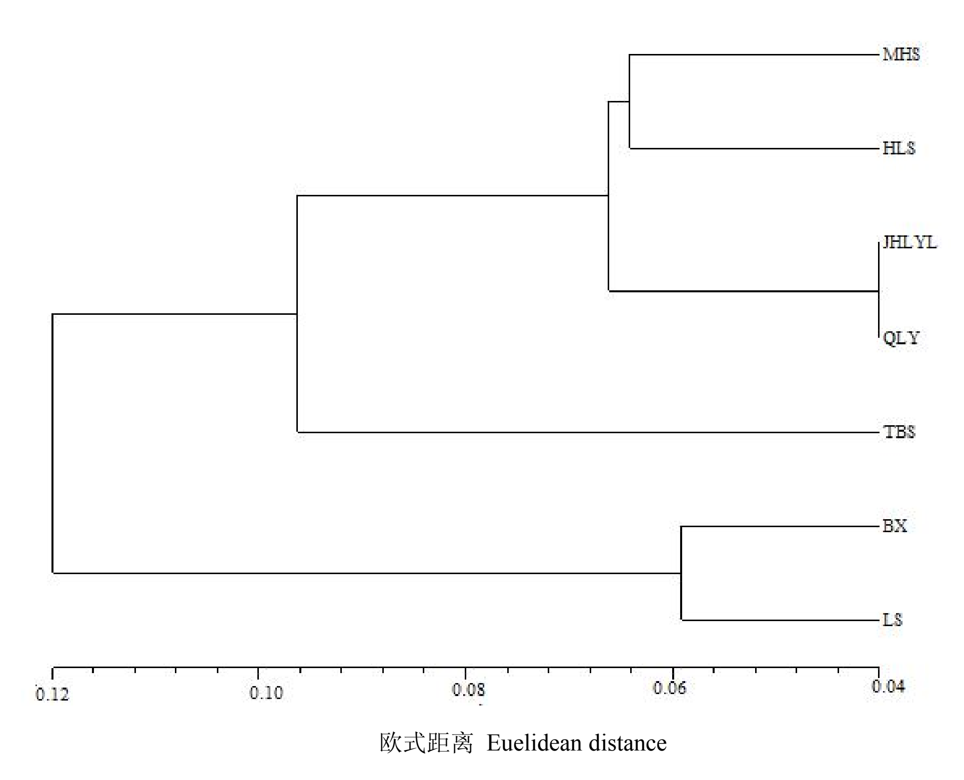
表 6　种子和果实表型性状与生态因子的相关分析

Table 6　Correlation analysis between phenotypic traits and ecological factors

| 性状<br>Traits | Longitude | Latitude | Altitude | Average<br>Temperatur | Precipitation |
|---|---|---|---|---|---|
| KFL | 0.209 | 0.106 | -0.295 | 0.040 | 0.441 |
| KFW | 0.548 | 0.523 | -0.590 | -0.321 | -0.319 |
| KFLW | -0.332 | -0.511 | 0.293 | 0.485 | 0.263 |
| FL | 0.222 | 0.789 | 0.098 | -0.821* | -0.661 |
| FW | -0.071 | 0.449 | 0.260 | -0.603 | -0.790* |
| FLW | 0.388 | 0.505 | -0.149 | -0.474 | -0.038 |
| FSL | 0.301 | 0.084 | -0.411 | 0.115 | 0.395 |
| BM | 0.226 | -0.161 | -0.482 | 0.383 | 0.516 |
| SCA | -0.505 | -0.317 | 0.434 | 0.105 | -0.322 |
| SL | 0.420 | 0.745 | 0.010 | -0.746 | -0.532 |
| SW | 0.222 | 0.398 | 0.033 | -0.442 | -0.399 |
| SLW | -0.085 | -0.008 | 0.120 | 0.010 | 0.080 |

2.6　茶条槭种群种子和果实表型聚类分析

利用欧式距离，运用非加权配对算数平均法( UPGMA) 对茶条槭 12 个表型性状数据进行聚类分析（图 1）。在欧式距离为 0.10 处为分界线，茶条槭种群可分为两支，第一支包括来自内蒙蛮汉山（MHS），陕西黄龙山(HLS)，吉林老爷岭(JLLYL)，山西七里峪(QLY)，河南桐柏山(TBS)。第二支包括辽宁本溪（BX）和山东崂山（LS）聚为一支，各种群之间没有严格按地理距离聚类。




欧式距离 Euelidean distance

图 1　基于 12 个表型性状的茶条槭种群的 UPGMA 聚类分析

Fig. 1　UPGMA-derived dendrogram clustering of the12 phenotype traits of *Acer ginnala*

## 3.　结论与讨论

### 3.1　茶条槭种子和果实表型变异的多样性

表型多样性是遗传多样性与环境异质性互作的结果，表型变异必然蕴涵着遗传变异，表型变异越大，可能存在的遗传变异越大（张晓骁等，2017）。茶条槭的各种子和果实性状指标在种群间和种群内都存在着显著差异，且种群内多样性大于种群间，反映出种群遗传多样性与环境异质性互作的复杂性，是不同环境选择的结果，也是群体分化的来源（李军等，1998）。此外，同一性状指标在不同的种群间也是存在着差异的，同一种群的不同性状指标也不同，这表明同种植物的相同性状对不同的环境条件的适应性不同，或不同性状对相同环境条件的响应不同（刘维等，2010；Eller F ＆ Brix H，2012）。

茶条槭种子和果实 12 个性状的平均变异系数是 13.90%，变异系数变化范围为 8.14%-32.08%，变化幅度较大，表明茶条槭表型性状离散程度较高，存在丰富的变异。茶条槭种群间种子性状的平均变异系数(8.71%) 低于果实性状平均变异系数(15.63%) ，表明种子性状较果实性状稳定性高，受地理环境影响较小，此结果与白皮松（李斌等，2002)、五角枫（张翠琴等，2015)、元宝枫（乔谦等，2017)、皂荚（李伟等，2013）等研究结果一致，与无患子（刁松锋等，2014)、青海云杉（王娅丽和李毅，2008)、江南油杉（刘雄盛等，2017）等种子和果实多样性的研究结果不同；茶条槭可能是分布范围广和进化历史导致其表型多样性较高。茶条槭广泛分布在我国的黑龙江、吉林、辽宁、山西、陕西、内蒙等地区，这些地区的气候环境条件存在着差异，为了适应不同的生长环境，茶条槭形成了不同的形态变异（Garbutt K ＆Bazza FA，1987)。此外，茶条槭具有几百年的进化历史，在漫长的进化过程中，必然蕴含了丰富的遗传变异，现有种群保留了原有种群的变异（黄栋等，2009)。

种群间的变异是种内多样性的重要组成部分，同时也能够反映生殖隔离与地理隔离上的差异。其值大小在一定水平上反映该物种对不同环境的适应能力，值越大适应环境的能力则越强（闫女等，2010）。茶条槭种群间的平均表型分化系数（35.47%）高于乔木白皮松（22.86%）（李斌等，2002）、禾本科芒（32.05%）（肖亮等，2013），云南含笑（24.38%）（宋杰等，2013），皂荚（20.42%）（李伟等，2013），濒危植物脱皮榆（28.102%）（郑昕等，2013），低于五角枫( 48.42%) （张翠琴等，2015）、葛萝槭( 50.16%)（孟超等，2013），说明茶条槭对环境的适应能力十分广泛。茶条槭为风媒传粉植物，花粉和果实均可随风传播，这就为种群间的基因交流提供了可能。种群内变异是茶条槭表型变异主要来源，其果实为翅果，自然状态下结实率较高，但种子成熟度普遍偏低，胚有生理后熟现象，这一生物学特性增加了种群内变异的可能（梁鸣等，2007），也可能是其自身所具有的遗传物质差异不同，以及个体发育过程受所处微环境不同导致的（罗建勋等，2003）。

### 3.2 种子和果实表型性状地理变异规律

植物种子和果实表型性状的地理变异规律比较复杂，即不同的物种对环境的适应性不同。青海云杉（王娅丽和李毅，2008）、元宝枫（乔谦等，2017）研究认为，该种种实表型性状以经度变异为主的梯度规律性。罗建勋等（2003）、刘雄盛等（2017）研究认为，海拔是影响云杉、江南油杉种子和果实的重要环境因子。无患子（刁松锋等，2014）种子和果实表型性状的变异与纬度和年均温显著相关。山苍子（田胜平等，2012）则以年降水量和海拔为主。就茶条槭而言，种子和果实表型性状与地理生态因子相关分析说明其受环境影响不大且种子受环境影响程度略小于果实性状，可能是由于种子和果实表型性状受自身遗传因素的影响较大，这一结果与林丽丽（2015）研究的结果是一致的。聚类结果显示茶条槭种群并没完全依照地理距离而聚类，表明该种群表型性状变异的不连续性。相似的研究结果在张翠琴等（2015）关于五角枫的表型变异中发现。

### 3.3 茶条槭保护策略与开发利用

茶条槭树形优美、秋叶鲜红艳丽，是我国重要的彩叶树种，同时，其树叶没叶子酸含量丰富是重要生物质能源树种。目前由于人为过分干扰导致茶条槭基因资源遭到了很大的浪费和破坏，处于渐危状态（马忠华等，2005）。茶条槭种子和果实具有丰富的表型变异，对优质种质资源的选择提供了一定的基础，在改良的过程中，加强对茶条槭药用和经济特性的研究，将种群间和种群内变异相结合，即在选择优势种群的同时在种群内选择优良个体。本文结果为生物多样性保护提供了一定的物质基础，同时也为下一步研究茶条槭遗传多样性、保护其种质资源、合理开发天然林以及培育人工林具有重要的意义。

# 参考文献：


CUI LT, LI WY, BAO H, et al, 2017. Cloing and sequence analysis of SDH gene from *Acer ginnala* Maxim [J]. J Centr S Univ For Technol, 37(4): 44-51. [崔丽婷，李文彦，包横，等，2017. 茶条槭 SDH 基因克隆及生物信息学分析［J］. 中南林业科技大学学报，37(4)：44-51.]

DIAO SF, SHAO WH, JIANG JM, et al, 2014. Phenotypicdiversity in natural populations of *Sapindus mukorossi* based onfruit and seed traits [J]. Acta Ecol Sin, 34(6): 1451-1460. [ 刁松锋，邵文豪，姜景民，等，2014. 基于种实性状的无患子天然群体表型多样性研究［J］. 生态学报，34(6)：1451-1460.]

ELLER F, BRIX H, 2012. Different genotypes of *Phragmites australlis* show distinct phenotypic plasticity in response to nutrient availability and temperature [J]. Aquat. Bot, 10(3): 89-97.

GARBUTT K, BAZZA FA, 1987. Population niche structure. Differential response of *Abutilon theophrasti* progeny to resource gradients [J]. Oecologia. 27(4): 291-302.

GARCIA R, SIEPIELSKI AM, BENKMAN CW, 2009. Cone and seedtrait variation in whitebarkpine *Pinus albicaulis* (Pinaceae) and the potential for phenotypic selection [J]. USA J Bot, 96(11): 1050－1054.

GE S, WANG MX, CHEN YW, 1998. An analysis of population genetic structure of *Masson pine* by isozme technique [J]. Sci Silv Sin, 24(4): 399-409. [葛颂，王明庥，陈岳武，1988. 用同工酶研究马尾松群体的遗传结构［J］. 林业科学， 24(4)：399-409.]

HONG L, 2008. The physiology characteristic research of the leaf color changes on the sapling of the *Acer ginnala* Maxim [D]. Harbin: NE For Univ: 1-96. [洪丽， 2008. 茶条槭幼树叶色变化的生理特性研究［D］. 哈尔滨：东北林业大学：1-96.]

HOU YK, HUNG L, GAO W, et al, 2013. Study on phenotypic character variation of fruits and seeds of *Xanthoceras sorbifolia* from different provenances [J]. J Centr S Univ For Technol: (Nat Sci Ed). 33( 7): 20-24. [侯元凯，黄 琳，高 巍，等. 2013. 不同种源文冠果果实及种子表型性状变异的研究［J］. 中南林业科技大学学报： 自然科学版，33(7)：20-24.]

HUANG D, WNAG J, LI DL, 2009. Biological Char acter istics and Planting Technology of *Acer ginnala* Maxim [J]. Mod Agric Sci, 16(4): 112-113. [黄栋，王瑾，李冬林，2009. 茶条槭的生物学特性与培育技术研究［J］. 现代农业科学， 16(4)：112-113.]

HUANG DJ, FENG G, LIU JH, et al, 2016. Study on samara phenotypic variation of *Acer palmatum* [J]. J Heilongjiang Bayi Agri Uni, 28(5): 36-41. [黄东静， 冯刚， 刘继虎， 等， 2016. 鸡爪槭翅果表型性状变异［J］. 黑龙江八一农垦大学学报， 28(5)：36-41.]

LIANG M, ZHANG R, YANG YH, et al, 2007. Study on seed anatomy biology of *Acer* plants [J]. For Sci Technol, 32(3): 9-12. [梁鸣， 张悦， 杨轶华， 等， 2007. 槭属植物种子解剖生物学的研究［J］. 林业科技， 32(3)：9-12.]

LI B, GU WC, LU BM, 2002. A study on phenotypic diversity of seeds and cones characteristics in *Pinus Bungeana* [J]. Biodiv Sci, 10( 2): 181－188. [李斌，顾万春，卢宝明，2002. 白皮松天然群体种实性状表型多样性研究［J］. 生物多样性，10(2)：181-188.]

LI J, QIAN B, ZHEN SZ, et al, 1998. Genetic diversity at isozyme level in seed bank of *Glycine soja*: A preliminary study [J]. Chin JAppl Ecol, 9(2): 145-149. [李 军， 钱 波， 郑师章，等. 1998. 野生大豆种子库中同工酶水平上的遗传多样性的初步研究［J］. 应用生态学报, 9(2)：145-149.]

LIN LL, 2015. Phenotypic variations and potential distribution area prediction of *Acer ginnala* population [D]. Linfen: Shanxi Normal Univ: 1-48. [林丽丽，2015. 茶条槭种群表型差异研究及潜在分布区预测［D］. 临汾：山西师范大学：1-48.]

LIU XS, JIANG Y, HUANG RL, et al, 2017. Variation in traits of cone and seed of *Keteleeria fortunei* var. *cyclolepis* and its relationship with environmental factors [J]. Guihaia, 37(1): 118-126. [刘雄盛，蒋 燚，黄

荣林，等，2017．江南油杉种实性状变异及其与环境因子的关系［J］．广西植物，37(1)： 118-126.]
LIU W, CHEN F, CHEN Y, et al, 2010. Phenotypic diversity of common wild rice in North [J]. Guangdong Agri Sci, 37(8): 21-24. [刘维， 陈芬， 陈雨，等， 2010. 粤北普通野生稻表型多样性研究［J］．广东农业科学，37(8)：21-24.]
LI YY, 2010. Tissue culture and rapid micropropagation of *Acer ginnala* [J]. Shandong For Sci Technol, 2(187): 48-50. [李岩岩，2010．茶条槭组织培养与快速繁殖技术研究［J］．山东林业科技， 2(187)：48-50.]
LI W, LIN FR, ZHENG YQ, et al, 2013. Phenotypic diversity of pods and seeds in natural populations of *Gleditsia sinensis* in southern China [J]. Acta Phytoecol Sin, 37( 1): 61 -69. [李伟，林富荣，郑勇奇，等，2013． 皂荚南方天然群体种实表型多样性［J］．植物生态学报，37(1)：61-69.]
LUO JX, LI XQ, SUN P, et al, 2003. Phenotypic variation in natural population of *Picea asperata* [J]. J NE For Univ, 31(1): 9-11. [罗建勋，李晓清，孙 鹏，等，2003．云杉天然群体的表型变异．东北林业大学学报，31(1)：9—11.]
MA ZH, ZHANG MS, MA CE, et al, 2005. Cultivation technology of economic forest of *Acer ginnala* Maixm [J]. Spec Ecol Anim Plant, 5(28): 22. [张茂松，马忠华，马传恩，等，2005．茶条槭专用经济林培育技术要点［J］．特种经济动植物，5(28)：22.]
MEN C, ZHEN X, JI ZF, et al, 2013. Phenotypic diversity of natural populations of *Acer grosseri* in Shanxi [J]. Acta Bot Boreal-Occident Sin, 33(11): 2232 – 2240. [孟超，郑昕，姬志峰，等，2013．山西葛萝槭天然种群表型多样性研究［J］．西北植物学报，33(11)：2232-2240.]
MING J, GU WC, 2006. Phenotypic variation of *Syringa oblata* Lindl [J]. For Res, 19(2): 199–204. [明军，顾万春．2006．紫丁香表型多样性研究［J］．林业科学研究，19(2)：199 - 204.]
PIGLIUCCI M, MURREN CJ, SCHLICHTING CD, 2006, Phenotypic plasticity and evolution by genetic assimilation [J]. J Exp Bio, 209(12): 2362-2367.
QIAO Q, FEN Z, REN HJ, et al, 2017. Phenotypic diversity of wing fruits and seeds in natural populations of *Acer truncatum* Bunge in China [J]. Sin J Acta Ecol, 36(10): 2707—2715. [乔谦，丰震，任红剑，等，2017．元宝枫天然种群种实表型多样性［J］．生态学杂志 ，36(10)：2707—2715.]
QIU L, 2012. The extraction and separation techniques of gallic acid from *Acer ginnala* Maxim leaves [D]. Hunan: Jishou Univ: 1-60. [邱亮，2012．茶条槭叶中没食子酸提取分离工艺研究［D］．湖南：吉首大学：1-60.]
SONG J, LI SF, LIU LN, et al, 2013. Phenotypic diversity of nature populations of *Michelia yunnanensis* [J]. Acta Bot Boreal-Occidentn Sin, 33(2): 272-279. [宋杰，李世峰，刘丽娜，等， 2013．云南含笑天然居群的表型多样性分析［J］．西北植物学报，33(2)：272-279.]
TIAN SP, WANG YD, CHEN YC, et al, 2012. Phenotypic diversity of nature *Litsea cubeba* population' s leaf and fruit traits [J]. Sin J Acta Ecol, 31(7): 1665-1672. [田胜平，汪阳东，陈益存，等，2012． 山苍子天然种群叶片和种实性状的表型多样性［J］．生态学杂志，31(7)：1665-1672.]
WANG D, PANG CH, GAO YH, et al, 2010. Phenotypic diversity of *Acer ginnala* (Aceraceae) population at different altitude [J]. Acta Bot Yunnan, 32(2): 117-125. [王丹，庞春华，高亚卉，等，2010．茶条槭不同海拔种群的表型多样性［J］．云南植物研究，32(2)：117-125.]
WANG YL, LI Y, 2008. Study on phenotypic diversity of cone and seed in natural populations of *Picea crassifolia* in Qilian Mountain, China [J]. Acta Phytoecol Sin, 32 ( 2 ): 355-362. [王娅丽，李毅，2008． 祁连山青海云杉天然群体的种实性状表型多样性［J］．植物生态学报，32(2)：355-362.]
XIAO L, JIANG JX, YI ZL, et al, 2013. A study on phenotypic diversity of *Miscanthus sinensis* natural population in Guangxi province [J]. Acta Prat Sin, 22(4): 43-50. [肖亮，蒋建雄，易自力，等，2013．广西省芒野生居群表型多样性研究［J］．草业学报，22(4)：43-50.]

YAN AM, CHEN WX, 1999. Phenotypic feature diversity of rhizobia isolated from *Medicago* sp., *Melilotus* sp. and *Caragana* sp [J]. Biodiv Sci. 7(2): 112-118. [ 阎爱民，陈文新，1999. 苜蓿、草木樨、锦鸡儿根瘤菌的表型多样性分析［J]. 生物多样性，7(2)：112-118.]

YAN N, WNAG D, GAO YH, et al, 2010. Genetic diversity of *Acer ginnala* populations at different elevation in Qiliyu based on ISSR markers [J]. Sci Sil Sin, 46(10): 50-56. [闫女，王丹，高亚卉，等，2010. 七里峪不同海拔茶条槭种群的遗传多样性［J]. 林业科学，46(10)：50-56.]

ZHANG HQ, AN LJ, ZU YG, 1999. Geographical variation of morphology characters for natural populations of *Pinus koraiensis* [J]. Acta Ecol Sin, 19( 6): 932－938. [张恒庆，安利佳，祖元刚，1999. 天然红松种群形态特征地理变异的研究. 生态学报，19(6)：932－938.]

ZHANG XX, SONG C, ZHANG YL, et al, 2017. Phenotypic diversity of *Paeonia rockii* populations in Qinling and Ziwuling Mountain Areas [J]. Acta Hortic Sin, 44(1): 139-150. [张晓骁，宋超，张延龙，等，2017. 秦岭与子午岭地区紫斑牡丹居群表型多样性研究［J]. 园艺学报，44(1)：139-150.]

ZHAO Y, YU T, CAI EB, et al, 2016. Optimization of total phenol extraction from leaves of *Acer ginnala* ang its antioxidant activity [J]. J NW A ＆ F Univ, 44 (1): 177-184. [赵岩，于婷，蔡恩博，等，2016. 茶条槭叶总酚的提取工艺优化及其抗氧化活性［J]. 西北农林科技大学学报， 44(1)：177-184.]

ZHENG CQ, JI ZF, LIN LL, et al, 2015. Phenotypic Diversity of *Acer mono* Maxim Population [J]. Acta Ecol Sin. 35(6): 1－14. [张翠琴，姬志峰，林丽丽，等，2015. 五角枫种群表型多样性研究［J]. 生态学报，35(6)：1－14.]

ZHEN X, MENG C, JI ZF, et al, 2013. PhenotypicDiversity of Leaves Morphologic Characteristics of *Ulmus lamellosa* Natural Populations in Shanxi [J]. Acta Hortic Sin, 40(10): 1951-1960. [郑昕，孟超，姬志峰，等，2013. 脱皮榆山西天然居群叶性状表型多样性研究［J]. 园艺学报，40(10)：1951-1960.]